

COVID-19 の数理モデル

－ SIIR モデル：感染拡大と無発症感染者の役割－

A mathematical model for COVID-19 pandemic

－ SIIR model: the spread of infection and roles of asymptomatic carriers －

友 知 政 樹

Masaki Tomochi

河 野 光 雄

Mitsuo Kono

概 要

本稿では、SIR や SEIR などの従来の感染症の数理モデルでは説明しきれない COVID-19 の感染拡大メカニズムの特性を明らかにするために、新たな数理モデル SIIR を構築した。COVID-19 の特徴として、(1) 未発症感染者 (潜伏期感染者) が存在し潜伏期間にあっても感染力を持つこと、(2) 無発症感染者が存在し野放しの状態で感染拡大に大きな役割を担うこと、(3) 回復者が獲得する抗体の持続期間が有限であること、などを新たなモデルに取り込むことで、SIIR モデルが COVID-19 に対して適合的であることを示し、さらに、東京、沖縄、全国、諸外国における新規陽性者数や死亡者数などのデータが再現されることを検証した。実社会の中で発見が遅れる、あるいは、きわめて発見されにくい無発症感染者を明示的に取り扱えるところに SIIR モデルの強みがある。SIIR モデルにおける感染終息のための集団免疫の条件は SIR モデルのそれより厳しく、無発症感染者の存在が集団免疫の閾値を大きくしていることも示された。

Abstract

A new mathematical model called SIIR is constructed to describe the world-widely undergoing spread of infection by taking account of the characteristics of COVID-19 and is verified by the number of confirmed cases in Tokyo, Okinawa, Japan and other countries. The following features of COVID-19: (1) there exist presymptomatic individuals who have infectivity even during the incubation period, (2) there exist asymptomatic individuals who can freely move around and play crucial roles in the spread of infection, and (3) the duration of immunity may be finite, are incorporated into the SIIR model, and certainly not for the conventional models such as SIR and SEIR. The SIIR model has the advantage of being able to explicitly handle asymptomatic individuals who are delayed in discovery or are extremely difficult to be discovered in the real world. It is shown that the conditions for herd immunity in the SIIR model are shown to be more severe than those in the SIR model, that is, the presence of asymptomatic individuals increases the herd immunity threshold (HIT).

※本紀要原稿は当面の最終稿としてまとめておく。COVID-19 感染拡大問題は現在進行中であるため、今後新たな概念や見方が必要となることを念頭において、データの集積と解析を続けていく。最新の結果は以下のサイトにおいて閲覧可能である。 <https://researchmap.jp/mtomochi1234/works>

1. はじめに

人類の歴史は天然痘、ポリオ、ペスト、インフルエンザ、エイズ、サーズ、マーズなどの感染症との闘いの歴史でもある。そして今日の COVID-19 感染拡大問題により、人類は医療体制崩壊の危機に直面したり、緊急事態宣言下の外出自粛、休業要請のなかで経済が停滞したりと、依然としてパンデミクスに脅かされ続けている。

感染症の拡大状況の評価と将来の予測については、古くから数理モデルが使われてきた。感染症も時代とともに変化し複雑化する中で、数理モデルも進化してきた。中でも、連立微分方程式によって記述された SIR(Susceptible-Infectious-Recovered(Removed)) モデルは感受性状態、感染状態、そして回復し抗体を獲得し(もしくは隔離され)感染ネットワークから外れた状態の3状態を考え、状態間遷移によって感染の拡大終息を議論する理論として、また、SEIR モデルは、SIR モデルの感染状態を感染力を持たない状態(Exposed)と感染力を持つ状態(Infectious)の2期に分け、4つの状態間遷移で感染症の伝播を調べるものとして、広く使われてきた([1]-[9])。

COVID-19 の感染拡大メカニズムは、従来モデルと同様に、感染者と感受性保持者の直接・間接の接触によるものであるから、従来のモデルで十分に説明可能でありそうであるが、COVID-19 のこれまではない特徴を付加して考察する必要もある。その特徴とは、COVID-19 には、感染から発症までに潜伏期間があり、未発症感染者は潜伏期間中にも感染を広げることに加え、さらに、潜伏期間後の発症者や感染が確認された者は隔離され

るとしても、潜伏期間終了後も発症しない者(無発症感染者)も存在し、それが隔離されずに野放しになるため、感染拡大の抑制を難しくしていることである。また、回復しても必ずしも免疫を持つわけではないため、回復者が再び感染する可能性があり、感受性保持者が再生産されることで、集団免疫ができるまでに時間がかかり、感染のピークが数次にわたって出現する可能性を否定できない。

本論では、SIR や SEIR などの従来の感染症の数理モデルでは説明しきれない COVID-19 の感染拡大メカニズムが、新たに導入する SIIR モデルでよく説明できることを示す。

2. SIR モデル

前節でも触れた SIR モデルは感受性状態(感受性人口 $S(t)$)、感染状態(感染者数 $I(t)$)、そして回復し抗体を獲得し(もしくは隔離され)感染ネットワークから外れた状態(回復者数 $R(t)$)の3状態を考え、状態間遷移によって感染の拡大・終息を議論する理論として一定の成功を収めた。ここで感染症の数理モデルの基本を理解するため SIR モデルを紹介しておく。先に述べた3状態にある人数の時間変化は

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t), \quad (1)$$

$$\begin{aligned} \frac{dI(t)}{dt} &= \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \\ &= (\beta S(t) - \gamma)I(t), \end{aligned} \quad (2)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t), \quad (3)$$

で記述される。感染の拡大は感受性保持者と感染者との出会い $S(t)I(t)$ によるものであるが、出会えば必ず感染するわ

けでないので、感染確率を β とすると、式 (1) の右辺は、時刻 t において感受性人口が $\beta S(t)I(t)$ だけ減少することを示し、式 (2) の右辺第 1 項で感染者数が $\beta S(t)I(t)$ だけ増加することを示している。感染者は回復して抗体を獲得したり、あるいは隔離されたりするなどして感染ネットワークから外れるが、その数は感染者数 $I(t)$ に比例するので、比例係数として、感染者数の減少分 $\gamma I(t)$ が式 (2) で引かれている。そして隔離者・回復者・死亡者を一括した増分として $\gamma I(t)$ が式 (3) の右辺に置かれている。式 (1) から式 (3) を加えると

$$\frac{d}{dt}(S(t)+I(t)+R(t))=0,$$

となるので、この 3 つの状態にある人数は常に一定で、全過程を通じて保存されることになる。この保存量はシステムの全人口で、それを N とすると

$$N=S(t)+I(t)+R(t),$$

となる。したがって、SIR モデルは 3 変数で構成されるが、2 変数で閉じており、3 番目の変数は式 (4) から求められる。

感染症の数理モデルが適用されるシステムは、世界 (パンデミック)、国や地方 (エピデミック)、あるいは地域 (エンデミック) であるが、感染症の拡大過程はシステムの規模の大小にかかわらず、感染の伝播メカニズムは同型であると考えてよいであろう。したがって、変数 $S(t)$ 、 $I(t)$ 、 $R(t)$ を N で規格化して、

$$\left\{\frac{S(t)}{N}, \frac{I(t)}{N}, \frac{R(t)}{N}\right\} \rightarrow \{S(t), I(t), R(t)\},$$

$$\beta N \rightarrow \beta,$$

と置き換えて、式 (1) から式 (3) を N で規格化されたものと考えことにする。

感染症の拡大過程の初期は圧倒的多数

の感受性保持者とごくわずかの感染者 ($S(0) \gg I(0)$) で構成されており、 $R(0)=0$ であるから、 $S(t) \simeq S(0)=S_0 \simeq 1$ としてよい。すると式 (2) は初期に

$$\begin{aligned} \frac{dI(t)}{dt} &= (\beta S(t) - \gamma)I(t) \simeq (\beta S_0 - \gamma)I(t) \\ &= \gamma(\mathcal{R}_0 - 1)I(t), \end{aligned} \quad (5)$$

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta S_0}{\gamma} \simeq \frac{\beta}{\gamma},$$

と近似できる。この解は

$$I(t) = I_0 e^{\gamma(\mathcal{R}_0 - 1)t}, \quad I(0) = I_0, \quad (6)$$

で与えられるから、 $\mathcal{R}_0 > 1$ で感染拡大、 $\mathcal{R}_0 \leq 1$ で感染終息となる。そのため \mathcal{R}_0 を基本再生産数とよび、一人の感染者が感染力のある期間 $1/\gamma$ に生み出す 2 次感染者数の平均値と解釈される。

これから、感染の拡大を防ぐために、感受性人口は外出を自粛し、外出の際はマスクを着用する ($\beta S_0 \simeq \beta$ を小さくする)、感染者を隔離する ($I(t)$ を小さくする) 等の対策がとられることになる。

図 1 と図 2 は、パラメータを

$$\begin{aligned} N &= 1, \\ \beta &= 0.18 \quad (\text{図1}), \\ \beta &= 0.08 \quad (\text{図2}), \\ \gamma &= \frac{1}{22}, \end{aligned}$$

初期値を

$$\begin{aligned} I(0) &= 0.001, \\ S(0) &= N - I(0), \\ R(0) &= 0, \end{aligned}$$

に設定したときの SIR モデルにおける変数の時系列グラフである。 β の値によって、全員が感染するケース (図 1) と集団免疫によって感受性保持者が残るケース (図 2) があることがわかる。

式 (1) と式 (2) から

$$\frac{dI}{dS} = -\frac{\beta S - \gamma}{\beta S} = -1 + \frac{\gamma}{\beta S}, \quad (7)$$

が得られるので、積分できて

$$\frac{I(t) - I_0}{S_0} = 1 - \frac{S(t)}{S_0} + \frac{1}{\mathcal{R}_0} \ln \frac{S(t)}{S_0}, \quad (8)$$

を得る。感染症は $t \rightarrow \infty$ で終息しているとすると、 $I(\infty) = 0$ としてよく、また $I_0/S_0 \ll 1$ であるから、式 (8) は

$$\mathcal{R}_0 = -\frac{\ln(S(\infty)/S_0)}{1 - S(\infty)/S_0} = -\frac{\ln(1-p)}{p}, \quad (9)$$

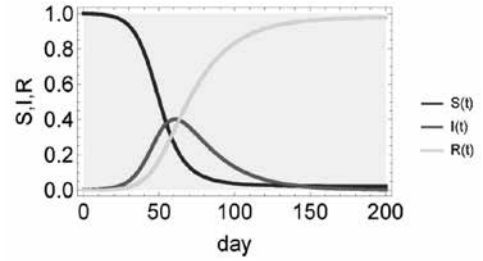
と書き換えられる。ここで $p = 1 - S(\infty)/S_0$ は感染症に罹患した人の割合 (最終規模) と解釈される。これから、感受性人口密度の最終規模 $S(\infty)/S_0$ と罹患患者数密度の最終規模 p は基本再生産数 \mathcal{R}_0 の関数として図3と図4の青線のようにあらわされる (赤線は後述する集団免疫の閾値曲線である)。図3と図4から、 $\mathcal{R}_0 = 2$ なら、感受性人口密度の最終規模は、罹患患者の最終規模は80%になることがわかる。 $\mathcal{R}_0 \geq 3.5$ なら感受性人口密度の最終規模はゼロに近くなり、ほぼ全員が罹患することになる。

式 (2) を書き換えて

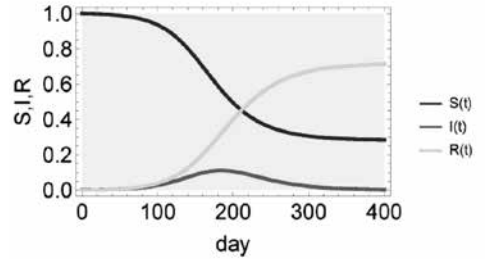
$$\begin{aligned} \frac{dI(t)}{dt} &= \gamma \left(\frac{\beta}{\gamma} S(t) - 1 \right) I(t) \\ &= \gamma (\mathcal{R}_e(t) - 1) I(t), \\ \mathcal{R}_e(t) &= \frac{\beta S(t)}{\gamma} = \mathcal{R}_0 \frac{S(t)}{S_0}, \end{aligned} \quad (10)$$

とすると、 $\mathcal{R}_e(t)$ は基本再生産数 \mathcal{R}_0 に対応する実効再生産数と見なすことができる。感染者数 $I(t)$ が増えてくると感受性人口密度 $S(t)/S_0$ は減少するから、

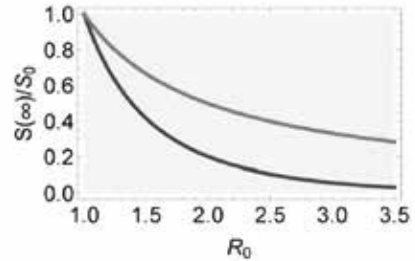
感染の拡大に伴って



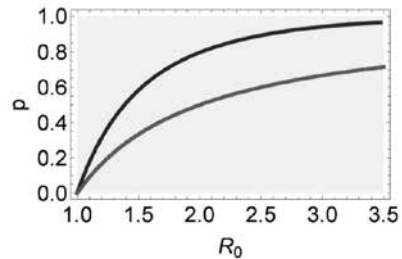
(図1) 全員感染: 感受性人口 (青) $S(t)$ 、感染者数 (赤) $I(t)$ 、回復抗体獲得者数 (シアン) $R(t)$



(図2) 集団免疫: 感受性人口 (青) $S(t)$ 、感染者数 (赤) $I(t)$ 、回復抗体獲得者数 (シアン) $R(t)$



(図3) 基本再生産数 \mathcal{R}_0 に対する感受性人口密度の最終規模 $S(\infty)/S(0)$ (青) (赤: 集団免疫の閾値曲線)



(図4) 基本再生産数 \mathcal{R}_0 に対する罹患患者数密度の最終規模 p (青) (赤: 集団免疫の閾値曲線)

$$\mathcal{R}_0 > 1 \rightarrow \mathcal{R}_e(t) = \mathcal{R}_0 \frac{S(t)}{S_0} < 1,$$

となって感染は拡大から縮小へ向かうことになる。回復者はすべて免疫化されるとすれば、免疫化された割合は $1 - S(t)/S_0$ で与えられるから、集団免疫が実現するためには

$$1 - \frac{S(t)}{S_0} \geq 1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0}, \quad (11)$$

が成り立たねばならない。この右辺が集団免疫の閾値と見なされる。図3と図4に集団免疫の閾値曲線(赤)を示した。こうして、感染症に対しては、ワクチンの開発で集団免疫ができるまでは、感染者の隔離を基本とし、実効再生産数 $\mathcal{R}_e(t)$ を1以下に抑え込む政策として何が求められるかが問われることになる。感受性保持者の免疫化率を $p_i(t)$ とすれば、免疫を持たない感受性人口は $S(t) = (1 - p_i(t))S_0$ となるので、実効再生産数は

$$\mathcal{R}_e(t) = \mathcal{R}_0 \frac{S(t)}{S_0} = (1 - p_i(t))\mathcal{R}_0, \quad (12)$$

となって、感染が拡大しない条件は

$$(1 - p_i(t))\mathcal{R}_0 \leq 1 \rightarrow p_i(t) \geq 1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0}, \quad (13)$$

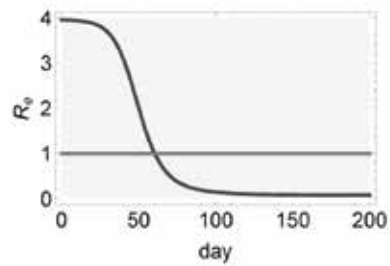
となって式(11)と一致する。図1と図2に対応する実効再生産数を図5と図6に示す。

式(12)の実効再生産数をデータから評価する方法はCori([10])等によって与えられている。実効再生産数 $\mathcal{R}_e(t)$ は、期日 t までの累積感染者数に対する期日 t に発生した新規感染者数の比で評価されるとして、期日 t における新規感染者数が $I_{new}(t)$ で与えられるとき、累積感染

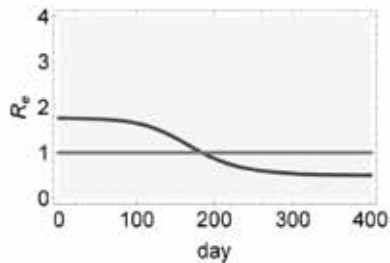
者数は重み関数 $w(t)$ を使って $\sum_{s=1}^t I_{new}(t-s)w(s)$ と定義して

$$\mathcal{R}_e(t) = \frac{I_{new}(t)}{\sum_{s=1}^t I_{new}(t-s)w(s)}, \quad (14)$$

とするものである。ここで重み関数 $w(t)$ は感染発生日時の分布関数で、Cori等はこれを "Instantaneous Reproduction Number" と呼んでいる。



(図5) 図1に対する実効再生産数 $\mathcal{R}_e(t)$: $\mathcal{R}_e(0) = \mathcal{R}_0 \simeq 3.96$



(図6) 図2に対する実効再生産数 $\mathcal{R}_e(t)$: $\mathcal{R}_e(0) = \mathcal{R}_0 \simeq 1.76$

3. SIIR モデル

3.1 SIIR モデル

COVID-19には、感染から発症までに潜伏期間があり、未発症感染者(潜伏期感染者)は潜伏期間中にも感染を広げることに加え、さらに、発症者や感染が確認された者は隔離されるとしても、潜伏期間終了後も発症しない者、つまり無

発症感染者も存在し、それが隔離されることなく野放しになるため、感染拡大の抑制を難しくしている。COVID-19 には、SIR モデルや SEIR モデルでは考慮されていない、状態の異なる感染者 (未発症感染者と無発症感染者) が存在し、回復して獲得する抗体の持続期間が長くないケースもあると指摘されている ([14])。このような COVID-19 の特徴を考慮した新たなモデルが必要となっている。

ここで、時刻 t における感受性人口を $S(t)$ 、未発症感染者数 (潜伏期感染者数) を $I_1(t)$ 、無発症感染者数を $I_2(t)$ 、発症隔離感染者数を $R_1(t)$ 、回復抗体獲得者数を $R_2(t)$ 、死亡者数を $R_3(t)$ とすると、これら相互の関係は図 7 に示され、

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)(I_1(t) + I_2(t)) + d_1 R_2(t), \quad (15)$$

$$\frac{dI_1(t)}{dt} = \beta S(t)(I_1(t) + I_2(t)) - (b_1 + b_2)I_1(t), \quad (16)$$

$$\frac{dI_2(t)}{dt} = b_2 I_1(t) - c_1 I_2(t), \quad (17)$$

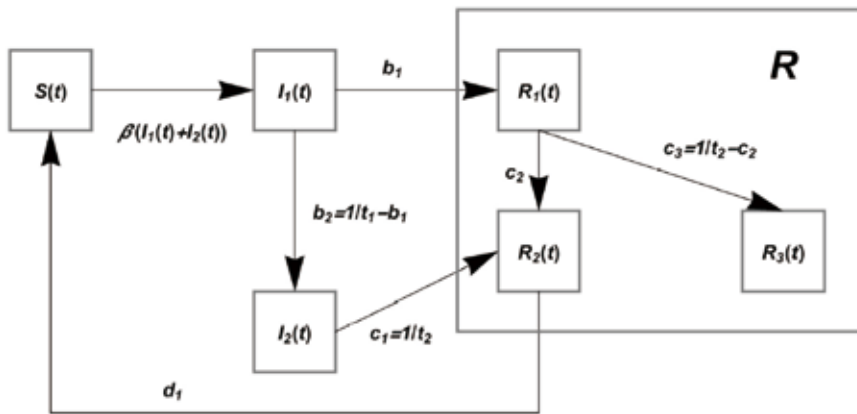
$$\frac{dR_1(t)}{dt} = b_1 I_1(t) - (c_2 + c_3)R_1(t), \quad (18)$$

$$\frac{dR_2(t)}{dt} = c_1 I_2(t) + c_2 R_1(t) - d_1 R_2(t), \quad (19)$$

$$\frac{dR_3(t)}{dt} = c_3 R_1(t), \quad (20)$$

と記述される。これを SIIR モデルと呼ぶことにする。

SIIR モデルでは、未発症感染者 (潜伏期感染者) と無発症感染者はステージは異なるが、ともに隔離されておらず野放し状態にあり、感染力を持つことを明示するために、それぞれを I_1 、 I_2 とし、発症隔離感染者、回復抗体獲得者、死亡者は感染力がないので、ステージは異なるがで表記し、それぞれを R_1 、 R_2 、 R_3 で表している。このため前節で解説した SIR モデルと区別するために SIIR モデルと



(図 7) SIIR モデルの構成：感受性人口 $S(t)$ 、未発症感染者数 (潜伏期感染者数) $I_1(t)$ 、無発症感染者数 $I_2(t)$ 、発症隔離感染者数 $R_1(t)$ 、回復抗体獲得者数 $R_2(t)$ 、死亡者数 $R_3(t)$

しているが、多階層モデルになっているところに特徴がある。

SIIR モデルの係数 β は感受性保持者 ($S(t)$) が感染力のあるステージの異なる感染者 ($I_1(t) + I_2(t)$) に会って感染する確率に対応し、SIR モデルと似た役割を持つ。未発症感染者 (潜伏期感染者) (I_1) は発症隔離感染者 (R_1) と無発症感染者 (I_2) へそれぞれ係数 b_1 と b_2 で分岐する。係数 b_1 と b_2 の意味は次のようにして理解される。 t における未発症感染者数 (潜伏期感染者数) $I_1(t)$ のうち、潜伏期満期で発症状態あるいは無発症状態に遷移する合計人数 ($n(t_1)$) は、潜伏期間内に均等に分布しているとすれば、潜伏期間を t_1 とすると、 $n(t_1) = I_1(t) / t_1$ 人としてよい。潜伏期満期に 番目の未発症感染者 (潜伏期感染者) が確率 b_{1i} で発症状態へ、確率 b_{2i} で無発症状態へ遷移する (ただし、 $b_{1i} + b_{2i} = 1$)。一方、発症期間 t_2 にある発症隔離感染者数 $R_1(t)$ と無発症感染者数 $I_2(t)$ のうち、潜伏 発症の遷移時の発症隔離感染者数は期間 t_2 に一様に分布しているとして $R_1(t) / t_2$ 、同様に無発症感染者数は $I_2(t) / t_2$ としてよいから、

$$\sum_{i=1}^{n(t_1)} b_{1i} = \frac{R_1(t)}{t_2}, \quad \sum_{i=1}^{n(t_1)} b_{2i} = \frac{I_2(t)}{t_2},$$

$$\begin{aligned} \sum_{i=1}^{n(t_1)} (b_{1i} + b_{2i}) &= n(t_1) \\ &= \frac{I_1(t)}{t_1} = \frac{1}{t_2} (R_1(t) + I_2(t)), \end{aligned}$$

となり、従って潜伏 発症の遷移時の関係式は

$$\frac{1}{t_1} I_1(t) = \frac{R_1(t)}{t_2} + \frac{I_2(t)}{t_2} = \Delta R_1(t) + \Delta I_2(t),$$

となっている。ここで $\Delta R_1(t)$ と $\Delta I_2(t)$ は新規の発症隔離感染者数と無発症感染

者数であるから

$$\Delta R_1(t) = b_1 I_1(t), \quad \Delta I_2(t) = b_2 I_1(t),$$

と書けるので

$$b_1 + b_2 = \frac{1}{t_1},$$

となる。発症・無発症を決める要因が何であるかは特定されていないが、健康因子を考慮しなければ、係数 b_1 と b_2 は潜伏期の逆数を按分していることになる。

係数 c_1 、 c_2 、 c_3 についても同様に発症期間と関係している。発症期間 t_2 が終わって発症隔離から回復抗体獲得への遷移と死亡への遷移時の関係式は

$$\frac{1}{t_2} R_1(t) = \Delta_1 R_2(t) + \Delta R_3(t),$$

無発症感染から回復抗体獲得への遷移時の関係式は (無発症感染から死亡への遷移はないとしている)

$$\frac{1}{t_2} I_2(t) = \Delta_2 R_2(t),$$

となる。従って

$$\Delta_1 R_2(t) = c_2 R_1(t),$$

$$\Delta_2 R_2(t) = c_1 I_2(t),$$

$$\Delta R_3 = c_3 R_1(t),$$

とおけて

$$c_1 = c_2 + c_3 = \frac{1}{t_2},$$

となり、 c_1 は発症期間の逆数であり、 c_2, c_3 は発症期間の逆数を按分している。

また、時刻 t において回復抗体獲得者 $R_2(t)$ が抗体を失えば感受性保持者 $S(t)$ に繰り込まれることになり、その係数 d_1 は抗体持続期間の逆数を表している。

こうして、SIIR モデルは、連続体モデルでありながら、状態の継続期間をあらわに取り込むことができるものになっており、保存量

$$\begin{aligned} & \frac{d}{dt}(S(t)+I_1(t)+I_2(t)+R_1(t) \\ & \quad +R_2(t)+R_3(t))=0 \\ \rightarrow & N=S(t)+I_1(t)+I_2(t) \\ & \quad +R_1(t)+R_2(t)+R_3(t), \end{aligned}$$

が存在するので、5変数のシステムである。

保存量 N で変数を規格化すれば、系の特徴的な挙動を考察するのに便利である。また、データによるモデルの検証を行うときは、計算結果がデータにベストフィットするようなパラメータとスケール変換を求めることになる。例えば東京都での感染拡大の様子を調べる際に、東京都の全人口にあたる 1400 万人の感受性保持者がどのように感染していくかという問題の立て方は意味をなさない。東京の全域で均等に感染が拡大することはあり得ないからである。感染リスクの高い人が密集する地域や職場は、都内にいくつも散在しているが、それぞれにおける感染拡大状況は互いに相似であることから、規格化されたモデルによる結果を、クラスター感染、市中感染、家庭内感染などのいわばローカル感染の総体として結びつけることにより、大域的な感染拡大の実体を解明することができる。ここに数理モデルの力がある。したがって、ここでも変数を N で規格化し

$$\begin{aligned} & \left\{ \frac{S(t)}{N}, \frac{I_1(t)}{N}, \frac{R_1(t)}{N} \right\} \rightarrow \{S(t), I_1(t), R_1(t)\}, \\ & \beta N \rightarrow \beta, \end{aligned}$$

の置き換えをする。この置き換えによって SIIR モデルを表す式 (15) から式 (20) は規格化されても同型である。

3.2 SIIR モデル方程式の数値解

3.2.1 単峰解

SIIR モデル方程式の数値解を求めておこう。ここでは回復者の抗体喪失期間が十分長く、感受性人口に繰り返し込まれる回復者数が小さい場合 ($d_1=0.001$) を考える。図 8 と図 9 は、パラメータを

$$N=1, \quad t_1=5, \quad t_2=17, \quad \beta=0.2,$$

$$b_1=\frac{0.3}{t_1}, \quad b_2=\frac{1}{t_1}-b_1, \quad c_1=\frac{1}{t_2},$$

$$c_2=\frac{0.8}{t_2}, \quad c_3=\frac{1}{t_2}-c_1, \quad d_1=0.001,$$

初期値を

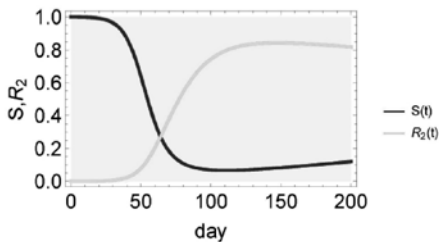
$$I_1(0)=0.0004, \quad S(0)=N-I_1(0),$$

$$I_2(0)=R_1(0)=R_2(0)=R_3(0)=0,$$

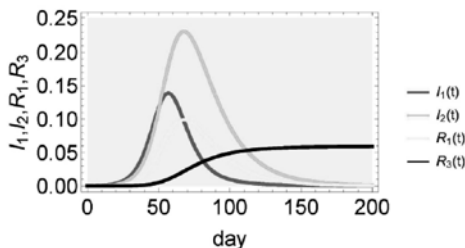
に設定したときの SIIR モデルにおける変数の時系列グラフである。感受性人口 (青) $S(t)$ が減少する中で、未発症感染者 (潜伏期感染者) 数 (赤) $I_1(t)$ が増加し、それに遅れて無発症感染者数 (緑) $I_2(t)$ と発症隔離感染者数 (黄) $R_1(t)$ が増加し、最終的には回復抗体獲得者数 (シアン) $R_2(t)$ と死亡者数 (黒) $R_3(t)$ が増加して飽和する様子が見て取れる。パラメータを $b_1 < b_2$ に設定しているため、発症隔離感染者数 (黄) よりも無発症感染者数 (緑) が多くなっている。このように、実社会の中で発見が遅れる、あるいは、極めて発見されにくい無発症感染者を明示的に取り扱えるところに SIIR モデルの強みがある。また、 $d_1 \neq 0$ なので、 t が十分経過すれば、回復抗体獲得者数 (シアン) が徐々に減少し感受性人口 (青) が徐々に増加する。与えられたパラメータと初期

値のもとでは以下に述べる集団免疫状態 ($1-S(t)/S(0) > 1-1/R_0$) が実現されて、最終的に感受性保持者が残ることが示されている。

感染拡大・終息の全過程の中間遷移状態である未発症感染 (潜伏感染) 期、発症隔離感染期、無発症感染期にある感染者数は短期間にそれぞれひとつピークを持つ構造をとる。未発症感染者数のピークの立ち上がりの速さを支配しているのは基本再生産数を構成している β と t_1 で、 β が固定されていれば t_1 が大きいほど立ち上がりが早く、ピークの位置は時間軸の小さいほうにずれ、ピーク値は大きくなる。これは、 t_1 が大きいと未発症感染者が潜伏状態に長くとどまり、 t_1 が小さければすぐに次の状態に移ってしまうからである。このため未発症感染者数のピーク幅は t_1 の大きさに依存する。未発症感染者は発症隔離感染者と無発症感染者に分岐するが、その割合はそれぞれ



(図8) 感受性人口 (青) $S(t)$ 、回復抗体獲得者数 (シアン) $R_2(t)$



(図9) 未発症感染者 (潜伏感染者) 数 (赤) $I_1(t)$ 、無発症感染者数 (緑) $I_2(t)$ 、発症隔離感染者数 (黄) $R_1(t)$ 、死亡者数 (黒) $R_3(t)$

れ b_1 と $b_2 = 1/t_1 - b_1$ となっているので、 b_1 が小さい時は無発症感染者が多くなって、未発症感染者数へのフィードバックが大きくなり、未発症感染者の立ち上がりが早く、ピーク値が大きく、ピーク幅が小さくなるが、逆に b_1 が大きくなると発症隔離感染者が増えて、未発症感染者へのフィードバックが細くなり、未発症感染者の立ち上がりも緩やかでピーク値が小さくなり、ピーク幅が広くなる。こうして b_1 は中間遷移状態の感染者数のピークの位置と幅を決定している。 t_2 は発症隔離感染者数と無発症感染者数のピークからの減衰の様子を決めていて、その理由は式 (17) と式 (18) の減衰項 $c_2 = 1/t_2$ と $c_2 + c_3 = 1/t_2$ から明らかである。 t_2 が大きくなれば減衰が緩やかとなり、ピーク幅が広がっていく。

3.2.2 複峰解：回復抗体獲得者の抗体喪失と再感染による反復的ピーク

SIIR モデルでは、回復者はすべて抗体を持つが、抗体の持続期間を $1/d_1$ としているため、回復後時間の経過とともに感受性保持者に繰り込まれて、

再感染がおり、完全終息まで小さなピークが繰り返されることになる。その様子を図 10 と図 11 に示した。パラメータは

$$N=1, \quad t_1=5, \quad t_2=17, \quad \beta=0.2,$$

$$b_1 = \frac{0.2}{t_1}, \quad b_2 = \frac{1}{t_1} - b_1, \quad c_1 = \frac{1}{t_2},$$

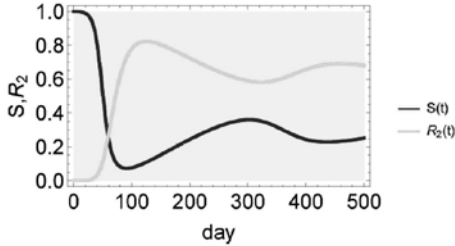
$$c_2 = \frac{0.9}{t_2}, \quad c_3 = \frac{1}{t_2} - c_2, \quad d_1 = 0.003,$$

初期値は

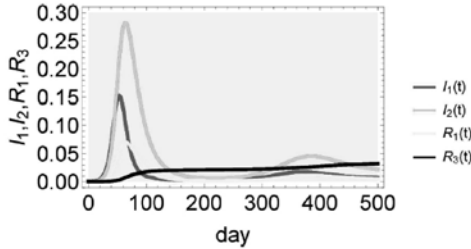
$$S(0) = N - I_1(0), \quad I_1(0) = 0.0004,$$

$$I_2(0) = R_1(0) = R_2(0) = R_3(0) = 0,$$

である。



(図 10) 回復者の再感染による波：感受性人口 (青) $S(t)$ 、回復抗体獲得者数 (シアン) $R_2(t)$



(図 11) 回復者の再感染による波：潜伏期感染者数 (赤) $I_1(t)$ 、無発症感染者数 (緑) $I_2(t)$ 、発症隔離感染者数 (黄) $R_1(t)$ 、死亡者数 (黒) $R_3(t)$

3.3 SIIR モデルの基本再生産数と実効再生産数

SIIR モデルの基本再生産数は SIR モデルと大きく異なる。SIR では $\mathcal{R}_0 > 1$ が感染拡大の条件であったが、図 8 から図 11 は

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta S_0}{b_1 + b_2} = \beta S_0 t_1 = 0.9996,$$

にもかかわらず感染拡大をひき起こしている。これは無発症感染者の存在のために感染拡大の \mathcal{R}_0 に対する条件が緩和されるからであり、SIIR モデルの特徴のひ

とつである。

SIIR モデルの初期の振る舞いを見ておこう。 $t \sim 0$ の近傍では $S(t) \sim S_0$ としてよいから式 (16) と式 (17) は

$$\frac{d}{dt} \begin{pmatrix} I_1(t) \\ I_2(t) \end{pmatrix} = A \begin{pmatrix} I_1(t) \\ I_2(t) \end{pmatrix},$$

$$A = \begin{pmatrix} \beta S_0 - (b_1 + b_2) & \beta S_0 \\ b_2 & -c_1 \end{pmatrix},$$

と表される。 A の固有値 λ は、 I を単位行列として

$$|A - \lambda I| = 0,$$

から求められて、

$$\lambda^2 + \{(b_1 + b_2)(1 - \mathcal{R}_0) + c_1\}\lambda + (b_1 + b_2)\{c_1 - (c_1 + b_2)\mathcal{R}_0\} = 0,$$

となるから

$$\lambda = \frac{1}{2} \{-\{(b_1 + b_2)(1 - \mathcal{R}_0) + c_1\} \pm \sqrt{\{(b_1 + b_2)(1 - \mathcal{R}_0) + c_1\}^2 - 4(b_1 + b_2)\{c_1 - (c_1 + b_2)\mathcal{R}_0\}}\},$$

$\lambda > 0$ の条件を求めると、

$$\mathcal{R}_0 > \frac{c_1}{c_1 + b_2}, \quad (21)$$

となる。 $b_2 = 0$ なら SIR の感染拡大のための条件に一致する。 $b_2 > 0$ の時、すなわち無発症感染者が存在すると $\mathcal{R}_0 < 1$ でも感染拡大となる。 $I_2(t)$ が感染拡大に寄与しているので、拡大のための基本再生産数に対する条件が緩和されるのである。

SIIR モデルの実効再生産数 $\mathcal{R}_e(t)$ は、SIR モデルと同様に定義されて、式 (16) から

$$\begin{aligned}\frac{dI_1(t)}{dt} &= (b_1 + b_2)(\mathcal{R}_e(t) - 1)I_1(t), \\ \mathcal{R}_e(t) &= \frac{\beta}{b_1 + b_2} S(t) \frac{I_1(t) + I_2(t)}{I_1(t)},\end{aligned}$$

となる。SIRモデルの基本再生産数 \mathcal{R}_0 は感染症に固有のパラメータで初期値に対して決められるので、

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{b_1 + b_2} S_0, \quad S_0 = S(0), \quad (22)$$

と与えられるから、実効再生産数は

$$\mathcal{R}_e(t) = \mathcal{R}_0 \frac{S(t)}{S_0} \left(1 + \frac{I_2(t)}{I_1(t)}\right), \quad (23)$$

と表される。ところで演算子

$$\mathcal{L}(c_1) = \frac{d}{dt} + c_1,$$

を導入すれば式 (17) は形式解

$$I_2(t) = b_2 \mathcal{L}^{-1}(c_1) I_1(t),$$

を持つ。これから実効再生産数には潜伏期間 $t_1 = 1/(b_1 + b_2)$ だけでなく、発症期間 $t_2 = 1/c_1$ が考慮されていて、感染力のある期間の指標であることがわかる。SIIRは解析的には解くことができず、数値的に解かれるので、式 (23) の計算には数値解を代入すればよい。 $t = 0$ の近傍では

$$\mathcal{L}^{-1}(c_1) \sim \frac{1}{c_1},$$

としてよいから、式 (23) は

$$\mathcal{R}_e = \mathcal{R}_0 \left(1 + \frac{b_2}{c_1}\right) > 1,$$

となって式 (21) に一致する。

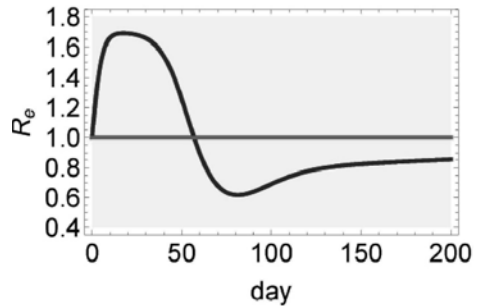
感染が終息に向かうためには

$$\mathcal{R}_e(t) = \mathcal{R}_0 \frac{S(t)}{S_0} \left(1 + \frac{I_2(t)}{I_1(t)}\right) < 1,$$

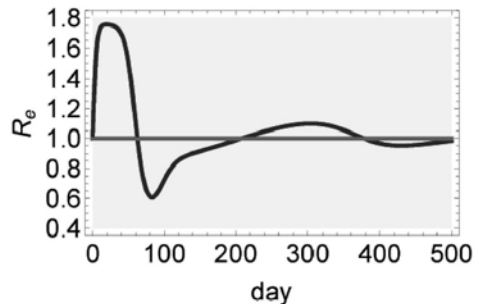
が成り立たなければならない。これは集団免疫の条件としての免疫化の割合が

$$1 - \frac{S(t)}{S_0} > 1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0} \frac{I_1(t)}{I_1(t) + I_2(t)} > 1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0},$$

を満たさねばならないことを意味していて、 $S(t)$ が単調減少関数であれば、感染終息のための SIIR モデルの集団免疫の条件は SIR モデルの集団免疫の条件より厳しいことを示していて、無発症感染者の存在が集団免疫の閾値を大きくしていることになる。また、回復者で抗体を失うものは $S(t)$ に繰り込まれるので、は単調減少関数ではなくなる場合もあるため、図 12 と図 13 のように、 $\mathcal{R}_e(t)$ が 1 より小さくなったり、大きくなったりして、感染ピークが抗体がなくなるタイムスケールの周期で複次的に現れることになる。



(図 12) 図 8 と図 9 に対応する実効再生産数



(図 13) 図 10 と図 11 に対応する実効再生産数

3.4 SIIR モデルの累積死亡者数

感染症において、累積死亡者数がどれほどになるのかを吟味しておくことは、極めて重要である。SIIR モデルでの累積死亡者数を評価しておこう。先に議論したように

$$c_1 = c_2 + c_3,$$

なので式 (17) と式 (18) から

$$\begin{aligned} \left(\frac{d}{dt} + c_1\right)(I_2(t) - \frac{b_2}{b_1} R_1(t)) &= 0, \\ \rightarrow I_2(t) - \frac{b_2}{b_1} R_1(t) &= \{I_2(0) - \frac{b_2}{b_1} R_1(0)\} e^{-c_1 t}, \end{aligned}$$

となって、

$$\begin{aligned} I_2(t) - \frac{b_2}{b_1} R_1(t) &\rightarrow 0 \\ \text{for } t \gg \frac{1}{c_1} = t_2, \end{aligned}$$

を得るが、SIIR の初期値問題に対して $I_2(0) = R_1(0) = 0$ と置くので

$$I_2(t) = \frac{b_2}{b_1} R_1(t), \quad (25)$$

としてよい。式 (25) によって SIIR システムは 4 変数システムとなる。基礎方程式を書き換えて

$$\begin{aligned} \frac{dS(t)}{dt} &= -\beta S(t)(I_1(t) + I_2(t)) \\ &\quad + d_1 R_2(t), \end{aligned} \quad (26)$$

$$\begin{aligned} \frac{dI_1(t)}{dt} &= \beta S(t)(I_1(t) + I_2(t)) \\ &\quad - (b_1 + b_2) I_1(t), \end{aligned} \quad (27)$$

$$\frac{dI_2(t)}{dt} = b_2 I_1(t) - c_1 I_2(t), \quad (28)$$

$$\frac{dR_2(t)}{dt} = (c_1 + c_2) \frac{b_1}{b_2} I_2(t) - d_1 R_2(t), \quad (29)$$

となるから保存量は

$$\begin{aligned} 1 &= S(t) + I_1(t) + \left(1 + \frac{b_1}{b_2}\right) I_2(t) \\ &\quad + R_2(t) + R_3(t), \end{aligned} \quad (30)$$

となる。

以下では簡単のため $d_1 = 0$ としよう。式 (20) と式 (25)、式 (29) とから

$$\begin{aligned} \frac{dR_3(t)}{dt} &= c_3 R_1(t) = \frac{b_1 c_3}{b_2} I_2(t), \\ \frac{dR_2(t)}{dt} &= \frac{b_1 c_2 + b_2 c_1}{b_2} I_2(t), \end{aligned}$$

が得られるので、引き算して

$$\begin{aligned} \frac{d}{dt} \left\{ R_3(t) - \frac{b_1 c_3}{b_1 c_2 + b_2 c_1} R_2(t) \right\} &= 0 \\ \rightarrow R_3(t) - \frac{b_1 c_3}{b_1 c_2 + b_2 c_1} R_2(t) &= R_3(0) - \frac{b_1 c_3}{b_1 c_2 + b_2 c_1} R_2(0) = 0, \end{aligned}$$

となる。ここで初期値は $R_2(0) = R_3(0) = 0$ と選ばれることを使った。こうして

$$R_2(t) + R_3(t) = \frac{c_1}{b_1 c_3} R_3(t),$$

が求められて、保存量は

$$\begin{aligned} 1 &= S(t) + I_1(t) \\ &\quad + \left(1 + \frac{b_1}{b_2}\right) I_2(t) + \frac{c_1}{b_1 c_3} R_3(t), \end{aligned} \quad (31)$$

と書ける。ここで $t \rightarrow \infty$ とすると式 (26) から (29) より

$$\begin{aligned}
-\beta S(t)(I_1(t) + I_2(t)) &= 0, \\
\beta S(t)(I_1(t) + I_2(t)) - (b_1 + b_2)I_1(t) &= 0, \\
b_2 I_1(t) - c_1 I_2(t) &= 0, \\
(c_1 + c_2 \frac{b_1}{b_2})I_2(t) &= 0,
\end{aligned}$$

となって

$$\begin{aligned}
I_{1*} = I_{2*} &= 0, \quad S_* \\
&= \frac{(b_1 + b_2)c_1}{\beta(c_1 + b_2)} = \frac{c_1}{\beta t_1(c_1 + b_2)},
\end{aligned} \tag{32}$$

を得るので

$$\begin{aligned}
\lim_{t \rightarrow \infty} R_3(t) &= R_{3*} \\
&= \frac{c_3 t_1}{c_1} b_1 \left(1 - \frac{c_1}{\beta t_1(c_1 + b_2)}\right) \\
&= \frac{c_3 t_1}{c_1} b_1 \left(1 - \frac{c_1}{\mathcal{R}_0(c_1 + b_2)}\right),
\end{aligned} \tag{33}$$

となる。ここで SIIR の基本再生産数 \mathcal{R}_0

$$\mathcal{R}_0 = \beta S_0 t_1 \simeq \beta t_1,$$

を使った。

SIIR モデルで集団免疫が実現するようなケースでは、感染過程の終状態でゼロにならずに残るのは感受性人口密度、回復抗体獲得者密度、死亡者密度であり、累積回復抗体獲得者密度は累積死亡者密度で表現できるため、

$$\begin{aligned}
&\text{累積死亡者密度} \\
&\propto (1 - \text{感受性人口密度}) \\
&= \text{累積感染者密度},
\end{aligned}$$

と表せて、係数が b_1 に比例し、累積感染者密度が b_1 の減少関数になって、図 14 に示したように、累積死亡者密度は b_1 の関数として極大値を持つことになる。係

数の b_1 は $R_2(t)$ を通して $I_2(t)$ と $R_1(t)$ から、また $R_3(t)$ を通して $R_1(t)$ からの寄与であり、累積感染者密度の b_1 は $I_2(t)$ からの寄与である。

R_{3*} の最大値を与える b_{1*} を求めておこう。

$$\begin{aligned}
\frac{dR_{3*}}{db_1} &= \frac{c_3 t_1}{c_1} \left\{ 1 - \frac{c_1}{\mathcal{R}_0} \right. \\
&\quad \left. \left(\frac{1}{c_1 + b_2} + \frac{b_1}{(c_1 + b_2)^2} \right) \right\} = 0,
\end{aligned}$$

とにおいて b_1 について解けば、 R_{3*} の極値を与える b_{1*} が求まる。

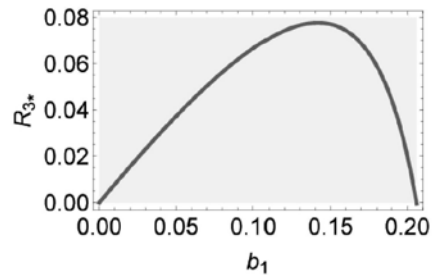
$$\begin{aligned}
(c_1 + b_2)^2 - \frac{c_1}{\mathcal{R}_0} (c_1 + b_2 + b_1) \\
= (c_1 + b_2)^2 - \frac{c_1}{\mathcal{R}_0} (c_1 + \frac{1}{t_1}) = 0,
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
b_{1*} &= \frac{1}{t_1} - b_{2*} \\
&= \frac{1}{t_1} + \frac{1}{t_2} \left\{ 1 \pm \sqrt{\frac{1}{\mathcal{R}_0} \left(1 + \frac{t_2}{t_1} \right)} \right\},
\end{aligned}$$

$b_1 < 1/t_1$ であることを考慮すると、 R_{3*} を最大にする b_1 は

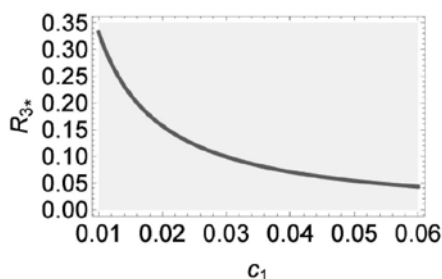
$$b_{1*} = \frac{1}{t_1} - \frac{1}{t_2} \left(\sqrt{\frac{t_1 + t_2}{\mathcal{R}_0 t_1}} - 1 \right), \tag{34}$$

で与えられることがわかる。



(図 14) 図 8、図 9 の終状態の累積死亡者数の b_1 依存性

終状態における累積死者密度 R_3^* が死亡率 c_3 の増加関数になっていることは式 (33) で確かめられる。また、 R_3^* は図 15 に示されているように c_1 の減少関数である。発症期間 ($1/c_1$) が短くなると、回復率が大きくなるからである。



(図 15) 図 8、図 9 の終状態の累積死者数の c_1 依存性

3.5 感染拡大・飽和のシナリオ：SIR と SIIR の対照表

SIIR モデルの大きな特徴は無発症感染者 $I_2(t)$ の存在を考慮したことである。無発症感染者が未発症感染者 (潜伏期感染者) から分岐するルートを閉ざして $b_2 = 0$ とすれば、 $I_2(t) = I_2(0)e^{-c_1 t}$ は SIIR からはずれる。また、回復抗体獲得者の抗体持続期間を無限大 ($d_1 = 0$) に取れば、SIIR モデルで $R_1 + R_2 + R_3 = R$ とおくと、SIIR モデルは SIR モデルに帰着する。こうして SIR は感染力のない当事者を一纏めにしたもので、内部構造を無視していることになる。抗体持続期間が有限であれば、回復抗体獲得者は時間の経過とともに感受性保持者のグループに算入されるが、SIR の取り扱いからは排除されてしまう。

基本再生産数について比を取れば

$$\frac{R_0(\text{SIIR})}{R_0(\text{SIR})} = \gamma I_1,$$

となり、同じ感染症に対して異なる基本再生産数を与えるため、政策担当者は政策導入に当たって注意すべきであろう。

4. SIIR モデルのデータによる検証

データとは日々都道府県の保健所から発表される PCR 検査によって判定された新規陽性者数のことであり、SIIR モデルで想定している未発症感染者 (潜伏期

感染者)、無発症感染者、発症隔離感染者のうち、未発症感染者と無発症感染者は検査を受けることが少ないため、データによる検証の対象になるのは発症隔離感染者である。新規陽性者数の観測データは、制御できない日々の変動を反映しているのに対して、SIIR は平均量を取り扱っており、データの包絡線を与えるものになっているので、見かけ上、ずれが大きく見えるが、累積陽性者数では日々の変動が粗視化されるので、理論との一致を確かめるうえで重要である。以下で、SIIR モデルの結果を、東京都、日本全国、沖縄県に加えて、スペイン、イギリス、ドイツ、スウェーデン、アメリカ、中国、ニュージーランドの新規陽性者数と累積陽性者数のデータの推移で検証する。

4.1 疫学的パラメータ

感染症の特性値について、潜伏期間は、WHO サイト ([11]、2020 年 4 月 2 日) では、主として武漢からのデータに基づいて、平均 5-6 日だが 14 日に及ぶ長いケースもあり、潜伏期間での感染力はあるとしている。また、Lauer et al ([12]) は、潜伏期間は中央値で 5.1 日 (95 CI, 4.5-5.8 日) で、感染者のが 11.5 日 (95 CI, 8.2-15.6 日) 以内に発症していると報告している。

表 1

	SIR	SIIR
変数	3	6
潜伏期間	無	t_1
発症期間	$1/\gamma$	t_2
無発症感染者	無	有
基本再生産数 \mathcal{R}_0	$\beta S_0/\gamma$	$\beta S_0 t_1$
実効再生産数 \mathcal{R}_e	$\mathcal{R}_e(t) = \mathcal{R}_0 S(t)/S_0$	$\mathcal{R}_e(t) = \mathcal{R}_0 (S(t)/S_0)(1 + I_2(t)/I_1(t))$
集団免疫の閾値	$1 - 1/\mathcal{R}_0$	$1 - (1/\mathcal{R}_0)(1 + I_1(t)/I_2(t))$
抗体獲得	回復者全員	回復者全員
抗体の持続期間	∞	$1/d_1$
感染ピーク	単峰型	単峰型、複峰型

発症期間についてははっきりしたデータ解析が行われていないようであるが、目安として厚生労働省新型コロナウイルス感染症対策推進本部が都道府県・保健所設置市の衛生主管部に出した事務連絡 ([13]、2020 年 4 月 22 日) で、国立感染症研究所による調査報告 (3 月 23 日) において「入院期間の平均値は 16.6 日」とされているので、これを目安として SIIR の数値計算においては

$$t_1 = 5, \quad t_2 = 17,$$

を基本とするが、上に述べたデータは武漢での感染拡大状況から算出されたものであり、パンデミックとなった現在は、各国における公衆衛生状況や基礎疾患特性の違いなどが大きく影響すると考えられるので、データにベストフィットするような数値を取ることとする。死亡率 c_3 は新規死亡者数の推移に合うように設定し、抗体持続期間の逆数である d_1 は、感染継続期間の長さに応じて設定することとする。

4.2 最小二乗法による感受性人口の決定

SIIR モデルは対象システムの人口サイズで規格化したので、データによる検証にあたっては、対象システムの人口サ

イズを決めなければならない。日時におけるデータの新規陽性者数を $g(k)$ で表し、規格化された SIIR モデルの対応する新規発症隔離感染者数 $\Delta R_1(k) = b_1 I_1(k)$ から人口サイズのシステムの新規発症隔離感染者数 $N \Delta R_1(k) = N b_1 I_1(k)$ を求め、

$$\sum_{k=1}^{K_e} (N b_1 I_1(k) - g(k))^2, \quad (35)$$

を最小にする N を求めることとする。ここで K_e は観測データの総数である。 $I_1(k)$ は β 、 t_1 、 t_2 、 b_1 、 $I_1(0)$ に依存しているものの、 t_1 と t_2 は疫学的パラメータであるとして文献 [12]、[13] にある数値に固定し、 β はデータの初期の成長曲線から求めた基本再生産数 \mathcal{R}_0 から $\beta = \mathcal{R}_0 / t_1$ として決められる。また b_1 は発症隔離感染者数のピークの位置を決めるので、新規陽性者数のピークの位置から推定できる。また初期値 $I_1(0)$ は振幅の立ち上がりの日時を決める。こうして式 (35) を最小にする N は

$$N = \frac{\sum_{k=1}^{K_e} I_1(k) g(k)}{\sum_{k=1}^{K_e} b_1 I_1(k)^2}, \quad (36)$$

と求められる。 $b_1 I_1(k)$ と $g(k)$ が相似形であっても振幅の立ち上がりの日時が

ずれていれば式 (35) は最小にはならない。従って、式 (36) によってシステムの人口サイズを求め、式 (35) を最小にする $\{N, I_1(0)\}$ を数値的に求めればよい。

4.3 東京都の感染拡大 (2020 年 1 月 24 日－11 月 28 日)

4.3.1 第 1 のピーク

東京における新規陽性者数は、すでに、第 1 のピークの後の第 2 のピークを迎えており、こうした連続するピークをどう評価するかは緊急の課題である。第 1 のピークは病院、介護施設等における、主として高齢層の小クラスター感染によって駆動され、そこから外部に浸潤していったとしてよい。小クラスターは互いに離れて点として存在し、それぞれが地域で多少拡大したものの、離れた小クラスターが重なり合って大規模化する前に、基礎疾患を持つ感染者の重症化や著名人の感染死亡が報じられて感受性保持者の防衛意識が高まった。そして、それらを受けた緊急事態宣言で、疑似的な相互監視網が広がり、野放しになっていた無発症感染者も自粛に就いたようで、感染拡大が終息に向かったかのように新規陽性者数が減少し、実効再生産数が 1 以下となるに及び、緊急事態宣言が解除され、落ち込んだ経済の再生に向けた活動に意識が向けられた。

まず第 1 のピーク時に対しては、日々の新規陽性者数の最大値は 200 人弱で、累積陽性者数は 6000 人程度であったから、人口 1300 万人の東京都の全域に広まるような感染爆発ではなく、濃密接触の機会が日常化している離れ離れにあるいくつかの場所が核となって周辺に拡大していった段階にあったと言えよう。東

京のように職住が離れていて、遠距離通勤・通学を余儀なくされている場合には、感染の飛び火が起こりえるが、第 1 のピーク時には、人々の自己防御行動によって抑えられたものと思われる。実際、通勤・通学の混雑する列車・バスの中で感染拡大が起こった事例は報告されていない。いわゆるソーシャルディスタンスに照らせば、電車・バス内は密空間であるが、マスクをし、会話をしないことが徹底され、またテレワーク、遠隔授業などで密空間そのものを作らないようにした努力の成果であったといえる。

4.3.2 第 2 のピーク

緊急事態宣言解除後に外出自粛から解き放たれた無発症感染者が向かった先は密空間であった。都市には多様な密空間があり、人々が息抜きをするエンターテインメントの小さい密空間は無数にあり、第 2 次ピーク形成の中で小クラスター感染が起り第 1 のピークを凌駕している。第 2 のピークは第 1 のピーク時より、新規陽性者数が多くなっているが、これは PCR 検査の規模を大きくして、第 1 次ピーク時には捕えられなかった無発症感染者を捕え始めたことによる増加が含まれているからと考えられる。小クラスター感染は、自粛解除の安堵感に忍び込み、大きなクラスター感染を引き起こしたといってよい。ここで改めて濃厚密接の回避を日常化する努力を求めるべきであるが、一方で緊急事態宣言の下で縮小した経済は日常生活に深刻な影響を与えており、経済活動の回復が緊急課題になっていることも事実である。落ち込んだ経済を回復させる方策として持ち込まれた種々の支援策はお金の流れを作り出

すことを目指しており、人の移動を活性化するものであり、第2のピークは終息に向かう途中で、あたかも平衡状態(SIIRモデルの不動点)に落ち込んだように高止まりした。この時期の新規陽性者数の変動幅は大きく、感受性人口の自粛・密回避の解除への逡巡を表すものであろう。この逡巡の背中を押したものが「GOTOプログラム」であろう。

4.3.3 第3のピーク

平衡状態は感受性人口に関して不安定であり、人の移動は第3のピークに向けた感染拡大を引き起こすことになる。外出・消費を促す支援策は、東京をはじめとする大都市の感染拡大を誘起するにとどまらず、観光地だけでなく、これまで感染が広がっていなかった地域の感染拡大をもたらしている。各地で病院、高齢者施設、学校、役場などでの感染クラスターが発生しており、第1ピーク時の東京の姿そのものである。

通勤時の満員電車で感染爆発が起きていない現状からすれば、日本では、従来のインフルエンザによって訓練されていて、感染症が猛威を振るうもとの集団の中での行動原理を合理的に身に着けていると思われるが、旅行・会食などはそうした日常の行動原理から解放されるときであり、ひと時の息抜きにウイルスが忍び寄る。新規陽性者数の増大は、当然のこととして人々に注意を喚起することになるから、感染ピーク終息期に緩んだ自己・他者防御行動を取り戻して、接触自粛による感染封じ込めの努力が始められることになるであろうから、この感染ピークの出現—自己・他者防御行動は連鎖してしばらくは続くことになり、地域

を巡回して、大域での集団免疫が形成されていくまで続くことになるものと考えるのが自然であろう。

4.3.4 反復的ピークに対応する SIIR 連鎖モデル

感染のパンデミックスの数理モデルは、感受性人口があらかじめ用意され、そこに感染者がはいってきて、感受性保持者が感染していく過程を調べるものである。そのため感受性人口がかなりの程度感染し、集団免疫を持つようになるまで感染が進むことになる。この場合、再度感染が拡大するのは、多数の回復者が抗体を失った後のことであるが、無発症感染者は陰性になった後で比較的早く再感染することも報告されており、感受性人口が十分多く、感染拡大が長期に及び回復者の抗体喪失期間を越えるような場合には、抗体喪失回復者から感受性人口が供給されることになり、感染—回復—感染のサイクルがしばらく続くことになる。一方で、感染者による新たな感受性人口の「獲得」は常に起こりうる。感染者が旅行して、その先々で感染を拡大している有様は、感染者による感受性人口の開拓そのものであり、新たなサブシステムの導入を必要とすることとなる。

東京都のような大都会では、濃厚接触の場が都心を中心に幾つもあり、それに付随する感受性人口のグループが別個にほぼ同時に「発火」して、東京都としての新規陽性者数のピークを作ることになる。感染拡大が政策的に封じ込まれるときには、感染が完全に終息していなければ、政策終了後に残った感染者による新たな濃厚接触から感染拡大がうまれ、第1のピーク形成と似た経過をたどること

になり、新規感染者のピークが政策対応期間を周期として連続的に出てくることになる。政策介入が感染の局所性を考慮せず、全国一律の「外出自粛要請」や「休業要請」のようなものになると、「要請解除」後には「警戒心のフェードアウト」でより大きな感染拡大がおこる可能性が高い。

こうした感染拡大の連鎖を記述するための SIIR モデルの拡張は簡単である。未発症感染者 (潜伏期感染者) と無発症感染者がいくつかの SIIR サブシステムを結び付けるとすればよい。実際、感染者が移動して新たな感染拡大地域を発掘している。 n 個の SIIR サブシステムを用意し、1 番目のシステムが発火・終息した後、そこで残った感染者が 2 番目のシステムの初期値として感染拡大を駆動する、という連鎖を考えればよいであろう。

図 16 に東京都の新規陽性者数の推移データ (赤)(NHK 新型コロナウイルス特設サイト) とそれに対応する SIIR モデルによる新規発症隔離感染者数 (黄) ($\Delta R_i(t) = b_i I_i(t)$) を示した。図 17 には図 17 の累積数を示してある。データ (赤) は 11 月 28 日 (横軸 310) まで、SIIR モデルによる数値解 (黄) は 1 月 7 日横軸 350) までの予測である。

ここでの SIIR モデルは、3 つの規格化された SIIR システム

$$\begin{aligned} \mathcal{A}_i &= \{S^{(i)}(t), I_1^{(i)}(t), I_2^{(i)}(t), \\ &\quad R_1^{(i)}(t), R_2^{(i)}(t), R_3^{(i)}(t)\}, \\ &\quad i=1, 2, 3, \\ 1 &= S^{(i)}(t) + I_1^{(i)}(t) + I_2^{(i)}(t) \\ &\quad + R_1^{(i)}(t) + R_2^{(i)}(t) + R_3^{(i)}(t), \end{aligned}$$

が順に感染の拡大と終息を引き起こしていくモデルで、 \mathcal{A}_1 システムでの感染拡大がシステムの集団免疫条件を満たして終息に向かったものの、 \mathcal{A}_1 システムに残っていた感染力のある感染者の一部が \mathcal{A}_1 システムの感受性人口に接触して、 \mathcal{A}_1 での感染をひき起こしたとし、 \mathcal{A}_1 から \mathcal{A}_3 へのリレーも同様である。この \mathcal{A}_1 から \mathcal{A}_3 への感染リレーは $t=K_1(=140)$ と $t=K_2(=240)$ でおこなわれる。パラメータと初期値は表 2 のとおりである。

感受性人口は \mathcal{A}_i のそれぞれのデータに対して最小二乗法によって決めたものである。3 つのサブシステムの数値解を繋ぎ合わせたものが図 16 と図 17 である。第 2 ピークでは若年層が感染者の主要な構成部分であることを反映して、感染率が $\beta=0.14$ とわずかに小さくなっていると同時に回復者が抗体を喪失する期間が 33 日程度になっている。これは無発症感染からの回復には抗体獲得が付随しない、および、回復者の抗体持続期間が大きくない可能性があることを意味しているが、第 2 ピークの終息から第 3 ピークへの成

表 2

サブシステム	\mathcal{A}_1	\mathcal{A}_2	\mathcal{A}_3
パラメータ	$\beta = 0.16, d_1 = 0.001$	$\beta = 0.14, d_1 = 0.03$	$\beta = 0.185, d_1 = 0.001$
	$t_1 = 5, t_2 = 15, b_1 = 0.06/t_1, b_2 = 1/t_1 - b_1, c_1 = 1/t_2, c_2 = 0.942/t_2, c_3 = 1/t_2 - c_2$		
接続	$K_1 = 140, K_2 = 240$		
初期条件	$I_1^{(1)}(0) = 0.00004$	$I_1^{(2)}(K_1) = 0.0008$	$I_1^{(3)} = 0.0001$
感受性人口	$N_1 = 101906$	$N_2 = 251692$	$N_3 = 261848$

長の期間の新規陽性者数が高止まりしていることに対応している。サブシステム間の遷移期の新規陽性者数が高止まりすることはピークの終息後定常状態に落ち着くことを意味していて、SIIR モデルのサブシステムは孤立保存系であることから、新規陽性者数と新規回復者数がバランスしていることを意味し、新規回復者数が感受性人口に繰り込まれることによって実現する。しかし、現実にはサブシステムが孤立系ではあり得ず、常に別のサブシステムとの間に少数ながら感受性人口や感染者の流れが存在するはずである。したがってこの別のサブシステムとの感受性人口や感染者の流れを、回復者の感受性人口への繰り込みによって実効的にあらわしたものと解釈できよう。

ここでの基本再生産数は \mathcal{A}_1 に対して $\mathcal{R}_0 = 0.799968$ 、 \mathcal{A}_2 に対して $\mathcal{R}_0 = 0.6958$ で、SIR モデルでは感染は拡大しないが、式 (21) に示したように、SIIR モデルでは感染拡大する。

感染拡大過程における無発症感染者数は SIIR モデルとデータから評価できる。式 (25) から日時における無発症感染者数 $I_2(t)$ は発症隔離感染者数 $R_1(t)$ に比例していて、新規無発症感染者数と新規発症隔離感染者数はともに無発症感染者数と発症隔離感染者数を発症期間 t_2 で割ったもので近似できるので、新規無発症感染者数と新規発症隔離感染者数も式 (25) で関係づけられているとしてよい。SIIR モデルでは新規発症隔離感染者数を日々の新規陽性判明者数のデータに対応させているから、発症隔離感染者数から無発症感染者数が評価できて、与えられたパラメータのもので

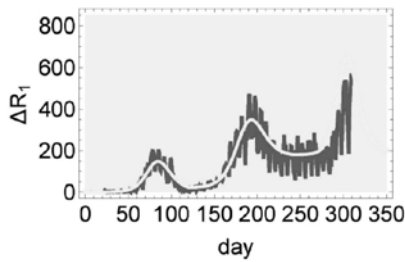
$$\frac{I_2(t)}{R_1(t)} = \frac{b_2}{b_1} = 15.67,$$

となり、東京都では無発症感染者は発症隔離感染者の 16 倍近く存在していることになる。緊急事態宣言の下で外出自粛していた無発症感染者が宣言解除後に再び野放し状態となり、新たな感染源として感受性保持者への接触が広げられたものであり、データもそれを示している。これから、日本における PCR 検査の主たる対象が自覚症状のある人々に限定されていたことが、感染拡大に至らしめた大きな要因であったことが理解される。PCR 検査を制限した理由は医療崩壊を防ぐためであったとされているが、補正予算を組んでなされた措置を医療崩壊対策に向けるべきでなかったか、検証が求められる。

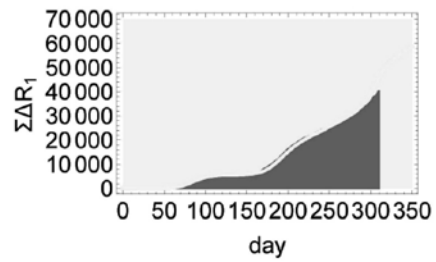
4.4 全国 (2020 年 1 月 24 日—11 月 27 日)

全国の感染拡大状況も SIIR モデルのサブシステム連鎖によってよく記述できることが示される。新規陽性者数 (図 18) と累積陽性者数 (図 19) の棒グラフ (赤) が観測データであり、曲線 (黄) が数値解である。また新規死亡者数 (図 20) と累積死亡者数 (図 21) の棒グラフ (赤) が観測データであり、曲線 (黒) が数値解である。ここでのデータは厚労省オープンデータ (1 月 24 日—11 月 27 日) から得たものであり、SIIR モデルの結果は 1 月 7 日までの予測を含むものになっている。図の横軸は 1 月 24 日からの日数であり、11 月 27 日は 309 に対応し、350 は 1 月 7 日に対応する。

日本全体では、人口密集地を中心に感染が拡大したが、ウイルスの変異で時期ごとに異なる感染力で広がったとする説 (最初は武漢型、次にアメリカ型、そして



(図 16) 東京の新規陽性者数 (観測値：赤) と新規発症隔離感染者数 $\Delta R_1(t)$ (SIIR：黄)



(図 17) 東京の累積陽性者数 (観測値：赤) と累積発症隔離感染者数 $\Sigma_t \Delta R_1(t)$ (SIIR：黄)

ヨーロッパ型が続き、現在は日本型として定着したとする説)があるものの、日本では第1期では病院や高齢者介護施設などでのクラスター発生によるものが主要であったのに対し、第2期では若年層が、第3期では家庭内感染が中心となっていることから、ウイルスの型の変異というよりは感受性人口の基礎疾患の有無や免疫力の高低などによると考えたほうがよさそうであり、疫学パラメータが異なる3つの連鎖的SIIRシステムを考えることにする。パラメータと初期値は表3のとおりである。

数値解を繋いだものが図18と図19である。全国と東京の人口サイズの比は

$$\frac{\text{全国システムの人口}}{\text{東京システムの人口}} \sim \begin{cases} 2.46 & \text{for } \mathcal{A}_1, \\ 3.70 & \text{for } \mathcal{A}_2, \\ 5.26 & \text{for } \mathcal{A}_3, \end{cases}$$

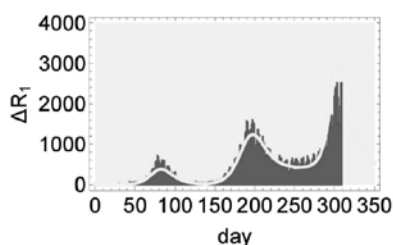
で、このことは全国の感染圏の人口サイズは、 \mathcal{A}_1 で東京都のその2.5個分、

\mathcal{A}_2 で3.7個分、 \mathcal{A}_3 で5.3個分ということで、第1次ピーク終息後に活発になった大都市部からの移動が全国の広範囲にわたっていることを示している。

東京都の感染拡大状況も、全国のそれも、同じパラメータを持つ規格化されたSIIR連鎖モデルにより精度よく記述されることは、SIIRモデルがCOVID-19の公衆衛生学的特性を正しく反映していることを示していると言ってよい。全国での感染拡大は、地域の感染拡大を単純に加えたものであり、人口密集地の大都市圏での感染拡大がそのまま全国の感染拡大に反映されることは、感染拡大の相似性が基礎にあり、それがSIIRモデルであると言える。この相似性ゆえに、一つの人口密集地における感染拡大の様子を徹底的に調べることにより、全国で使える感染症対策の知見が得られることになる。COVID-19による死亡者数も全国のデータとSIIRの結果とを比べておく。 R_1 と R_3 はステージが異なるので、両者のピークの出現時刻にも時差が生じる。それゆえ、新規死亡者数のグラフにおいて、 \mathcal{A}_1 と \mathcal{A}_2

表 3

サブシステム	\mathcal{A}_1	\mathcal{A}_2	\mathcal{A}_3
パラメータ	$\beta = 0.16, c_2 = 0.942/t_2, d_1 = 0.001$ $t_1 = 5, t_2 = 17, b_1 = 0.06/t_1, b_2 = 1/t_1 - b_1, c_1 = 1/t_2, c_3 = 1/t_2 - c_2$	$\beta = 0.14, c_2 = 0.99/t_2, d_1 = 0.02$	$\beta = 0.185, c_2 = 0.99/t_2, d_1 = 0.001$
接続	$K_1 = 140, K_2 = 250$		
初期条件	$I_1^{(1)}(0) = 0.00004$	$I_1^{(2)}(K_1) = 0.003$	$I_1^{(3)}(K_2) = 0.0003$
感受性人口	$N_1 = 250833$	$N_2 = 932388$	$N_3 = 137850$

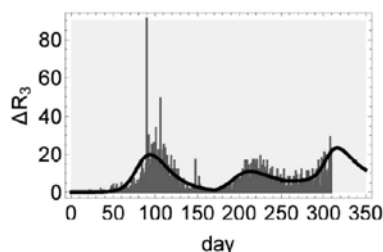


(図 18) 全国の新規陽性者数 (観測値：赤) と新規発症隔離感染者数 $\Delta R_1(t)$ (SIIR：黄)

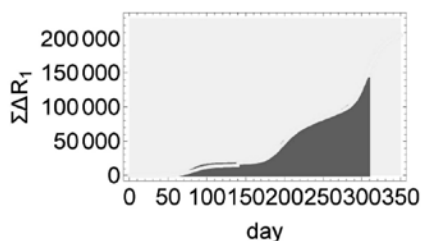
をつなげる際の時刻にも時差が生じ、つなげるタイミングを $K_1=170$ とした。死亡率は

$$c_3 = \begin{cases} \frac{0.058}{t_2} & \text{for } t \leq K_1, \\ \frac{0.010}{t_2} & \text{for } t > K_1, \end{cases}$$

としてある。これは \mathcal{A}_2 では若年層の感染が主要な構成要素であり、 \mathcal{A}_1 での死亡者数を担った基礎疾患を持った高齢者が少ないこと、また医療機関が \mathcal{A}_1 で経験を積み治療に適正な対応ができるようになっていくなどの要因が考えられているからである。 \mathcal{A}_2 から \mathcal{A}_3 への接続は $K_2=250$ で新規陽性者数の接続と同じである。 \mathcal{A}_3 では、大都市における家庭内感染と、大都市から全国への感染拡大となっているので、若年層から高齢者層への感染が懸念されているが、まだ拡大途上であるので、死亡率は \mathcal{A}_2 と同じにしてあるが、今後高齢感染者の死者数が増



(図 20) 全国の新規死亡者数 (観測値：赤) と $c_3 R_1(t)$ (SIIR：黒)

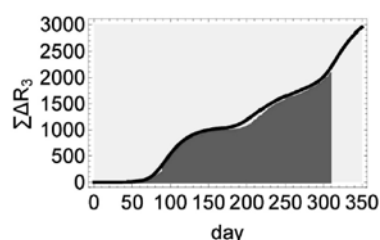


(図 19) 全国の累積陽性者数 (観測値：赤) と累積発症隔離感染者数 $\Sigma_t \Delta R_1(t)$ (SIIR：黄)

える可能性があるので、感染者の隔離を徹底する必要がある。全国の新規死亡者数 (図 20) は日々のばらつきが大きい、累積死亡者数 (図 21) は、全国からの日々の新規死亡者数の足し算によって粗視化されてしまうので、SIIR モデルで十分精度よく記述されていることがわかる。

4.5 沖縄県 (2020 年 7 月 8 日–11 月 28 日)

沖縄県 (図 22、23) は 2020 年 1 月 24 日に感染者が出て 4 月 25 日を最後に感染者は出ていなかったため、感染終息したと考えられていた。7 月 8 日から 4 日間新たな感染者が出たものの、その後 1 週間は新規感染者が報告されず、一時的なものと思われていたが、7 月の連休から急激に新規感染者が出て、その後拡大した。県外からの無発症感染者の旅行が契機となったと考えられるが、それもまもなく終息に向かうと思われたが、今度は「GO TO キャンペーン」に起因すると思われ



(図 21) 全国の累積死亡者数 (観測値：赤) と $\Sigma_t c_3 R_1(t)$ (SIIR：黒)

る新規陽性者数の増加がみられる。SIIRモデルがデータの少ないケースに対しても有効であることを見ておこう。沖縄県は7月以降の感染拡大・終息を第1期とし、9月半ばからは、新規感染と回復がバランスし準定常状態になっているようにも見えるし、小規模の感染波が繰り返されているようにも見えるが、11月末の急拡大は感染拡大の兆候としてよいであろう。そこで第3波の到来としてこれまでの推移をとらえると以下ようになる。

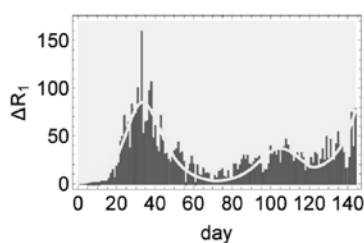
5. ヨーロッパ・アメリカ・アジアのデータによる SIIR モデルの検証

ヨーロッパの国における感染状況は SIIR モデルで十分説明できるが、アメリ

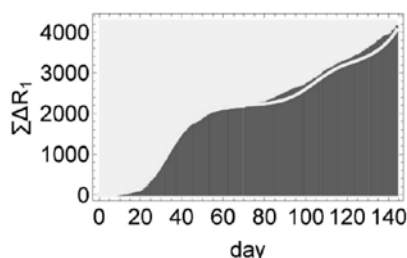
カは多くの州からなりそれらが時間的に前後に感染拡大をしているようで、解析は簡単ではないが多くのサブシステムを考慮することで感染状況を再現できると期待している。注目すべき点は、疫学上のパラメータには国による大きな違いが見られないことである。ウイルスの変異によって国によって感染状況が大きく異なるとの説が唱えられてもいるが、現実的には人と人とのかかわり方に依存して感染状況に違いが出ているに過ぎないことが理解される。データは "Our World in Data、COVID-19" から採ったものである。

表 4

サブシステム	\mathcal{A}_1	\mathcal{A}_2	\mathcal{A}_3
パラメータ	$\beta = 0.22$	$\beta = 0.18$	$\beta = 0.14$
	$t_1 = 5, t_2 = 17, b_1 = 0.06/t_1, b_2 = 1/t_1 - b_1, c_1 = 1/t_2, c_2 = 0.942/t_2, c_3 = 1/t_2 - c_2, d_1 = 0.0001$		
接続	$K_1 = 70, K_2 = 120$		
初期条件	$I_1^{(1)}(0) = 0.003$	$I_1^{(2)}(K_1) = 0.02$	$I_1^{(3)}(K_2) = 0.001$
感受性人口	$N_1 = 37325$	$N_2 = 20045$	$N_3 = 102771$



(図 22) 沖縄県の新規陽性者数 (観測値: 赤) と $\Delta R_1(t)$ (SIIR: 黄)

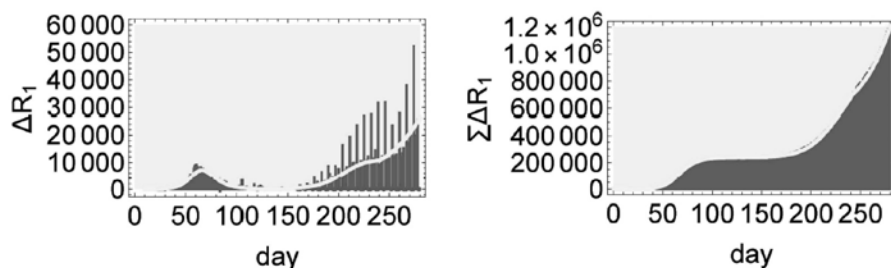


(図 23) 沖縄県の累積陽性者数 (観測値: 赤) と $\Sigma_t \Delta R_1(t)$ (SIIR: 黄)

5.1 スペイン (2020.2.1-2020.11.02)

表 5

サブシステム	\mathcal{A}_1	\mathcal{A}_2	\mathcal{A}_3
パラメータ	$t_2 = 10, \beta = 0.19, d_1 = 0.0$	$t_2 = 5, \beta = 0.16, d_1 = 0.2$	$t_2 = 5, \beta = 0.122, d_1 = 0.2$
	$t_1 = 5, b_1 = 0.05/t_1, b_2 = 1/t_1 - b_1, c_1 = 1/t_2, c_2 = 0.942/t_2, c_3 = 1/t_2 - c_2$		
接続	$K_1 = 140, K_2 = 240$		
初期条件	$I_1^{(1)}(0) = 0.0001$	$I_1^{(2)}(K_1) = 0.0008$	$I_1^{(3)}(K_2) = 0.003$
感受性人口	$N_1 = 5247740$	$N_2 = 7773070$	$N_3 = 24812200$

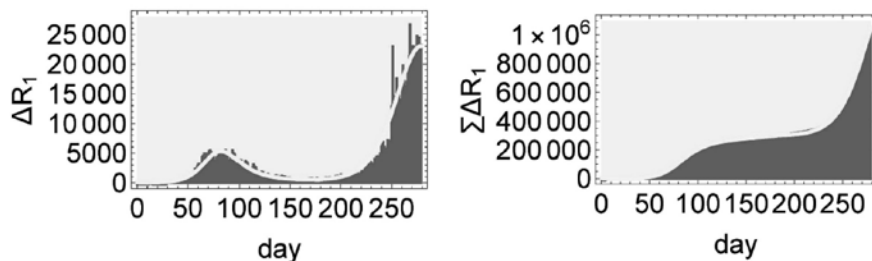


(図 24) スペイン：新規 (左)・累積 (右) の陽性者数 (赤) と発症隔離者数 (SIIR：黄)

5.2 イギリス (2020.1.29-2020.11.02)

表 6

サブシステム	\mathcal{A}_1	\mathcal{A}_2
パラメータ	$t_1 = 5, t_2 = 5, \beta = 0.18, b_1 = 0.04/t_1$	$t_1 = 5, t_2 = 3, \beta = 0.18, b_1 = 0.06/t_1$
	$b_2 = 1/t_1 - b_1, c_1 = 1/t_2, c_2 = 0.942/t_2, c_3 = 1/t_2 - c_2, d_1 = 0.01$	
接続	$K = 180$	
初期条件	$I_1^{(1)}(0) = 0.0002$	$I_1^{(2)}(K) = 0.0004$
感受性人口	$N_1 = 8098500$	$N_2 = 43125000$

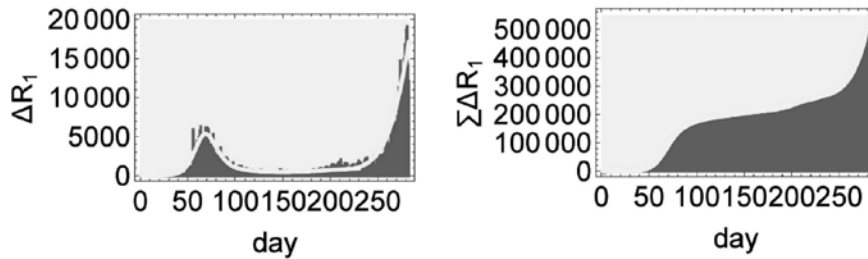


(図 25) イギリス：新規 (左)・累積 (右) の陽性者数 (赤) と発症隔離者数 (SIIR：黄)

5.3 ドイツ (2020.1.25-2020.11.02)

表 7

サブシステム	\mathcal{A}_1	\mathcal{A}_2
パラメータ	$t_1 = 5, t_2 = 17, \beta = 0.18$	$t_1 = 5, t_2 = 5, \beta = 0.13$
	$b_1 = 0.06/t_1, b_2 = 1/t_1 - b_1, c_1 = 1/t_2, c_2 = 0.942/t_2, c_3 = 1/t_2 - c_2, d_1 = 0.006$	
接続	$K = 170$	
初期条件	$I_1^{(1)}(0) = 0.00006$	$I_1^{(2)}(K) = 0.0008$
感受性人口	$N_1 = 2955550$	$N_2 = 4308600$

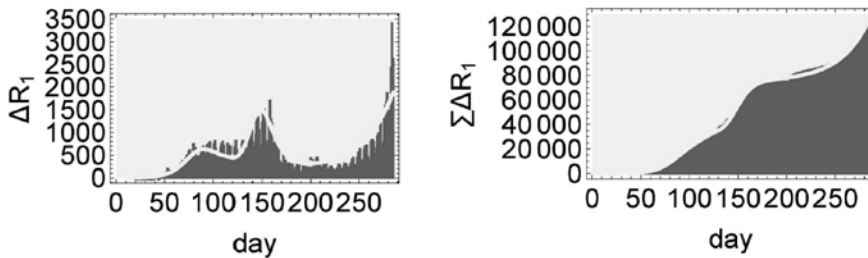


(図 26) ドイツ：新規 (左)・累積 (右) の陽性者数 (赤) と発症隔離者数 (SIIR：黄)

5.4 スウェーデン (2020.1.25-2020.11.02)

表 8

サブシステム	\mathcal{A}_1	\mathcal{A}_2	\mathcal{A}_2
パラメータ	$t_1 = 3, t_2 = 17$	$t_1 = 4, t_2 = 15$	$t_1 = 5, t_2 = 5$
	$\beta = 0.14, d_1 = 0.05$	$\beta = 0.18, d_1 = 0.0004$	$\beta = 0.13, d_1 = 0.0002$
	$b_1 = 0.06/t_1, b_2 = 1/t_1 - b_1, c_1 = 1/t_2, c_2 = 0.942/t_2, c_3 = 1/t_2 - c_2$		
接続	$K_1 = 120, K_2 = 200$		
初期条件	$I_1^{(1)}(0) = 0.0002$	$I_1^{(2)}(K_1) = 0.02$	$I_1^{(3)}(K_2) = 0.0001$
感受性人口	$N_1 = 556776$	$N_2 = 726851$	$N_3 = 11321300$

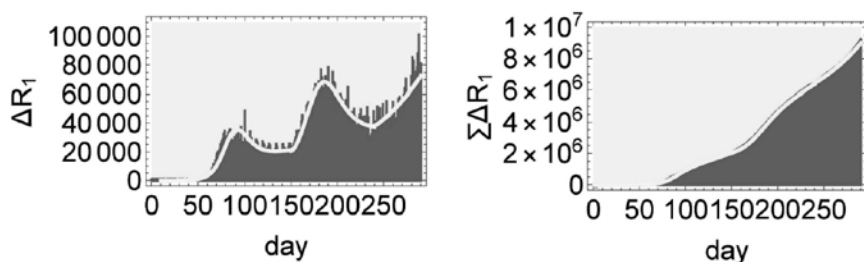


(図 27) スウェーデン：新規 (左)・累積 (右) の陽性者数 (赤) と発症隔離者数 (SIIR：青)

5.5 アメリカ (2020.1.18-2020.11.02)

表 9

サブシステム	\mathcal{A}_1	\mathcal{A}_2	\mathcal{A}_3
パラメータ	$t_2 = 10, \beta = 0.18, d_1 = 0.05$ $t_1 = 5, b_1 = 0.06/t_1, b_2 = 1/t_1 - b_1, c_1 = 1/t_2, c_2 = 0.942/t_2, c_3 = 1/t_2 - c_2$	$t_2 = 17, \beta = 0.12, d_1 = 0.03$	$t_2 = 17, \beta = 0.06, d_1 = 0.03$
接続	$K_1 = 150, K_2 = 240$		
初期条件	$I_1^{(1)}(0) = 0.00001$	$I_1^{(2)}(K_1) = 0.033$	$I_1^{(3)}(K_2) = 0.001$
感受性人口	$N_1 = 20974500$	$N_2 = 61543400$	$N_2 = 68102900$



(図 28) アメリカ：新規 (左)・累積 (右) の陽性者数 (赤) と発症隔離者数 (SIIR：青)

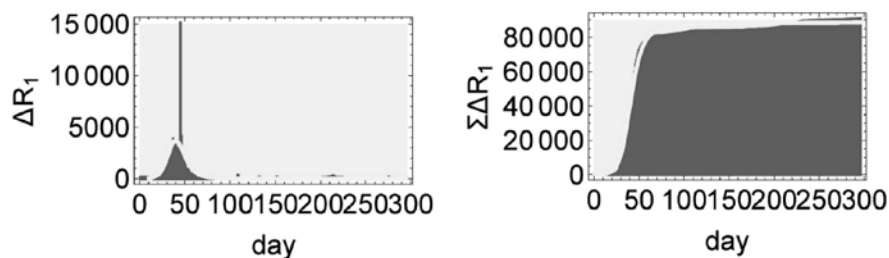
5.6 中国 (2019.12.31-2020.11.05)

中国は世界に先立って感染を広げたが、武漢での感染の終息とともに全国での感

染がおさまり、第1波で完全に封じ込めたとみられ、サブシステムは1つである。

表 10

サブシステム	\mathcal{A}
パラメータ	$t_1 = 5, t_2 = 20, \beta = 0.22$ $b_1 = 0.05/t_1, b_2 = 1/t_1 - b_1, c_1 = 1/t_2, c_2 = 0.942/t_2, c_3 = 1/t_2 - c_2, d_1 = 0.001$
初期条件	$I_1(0) = 0.0008$
感受性人口	$N = 1888480$



(図 29) 中国：新規 (左)・累積 (右) の陽性者数 (赤) と発症隔離者数 (SIIR：青)

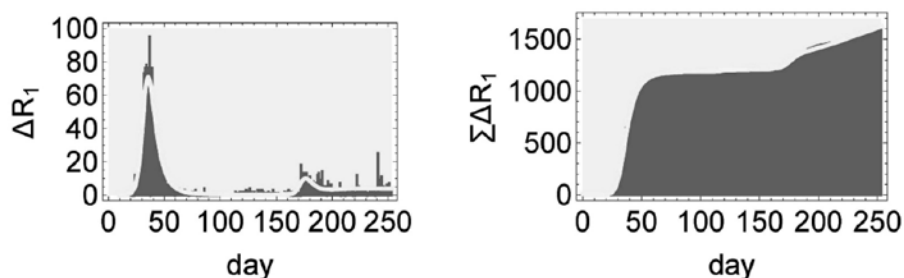
5.7 ニュージーランド(2019.2.19-2020.11.2)

ニュージーランドは感染拡大初期に

ロックダウンして、その後抑えることに成功している。

表 11

サブシステム	\mathcal{A}_1	\mathcal{A}_2
パラメータ	$t_1 = 6, t_2 = 7, d_1 = 0.003$ $\beta = 0.42, b_1 = 0.06/t_1, b_2 = 1/t_1 - b_1, c_1 = 1/t_2, c_2 = 0.942/t_2, c_3 = 1/t_2 - c_2$	$t_1 = 5, t_2 = 5, d_1 = 0.05$
接続	$K = 160$	
初期条件	$I_1^{(1)}(0) = 0.000004$	$I_1^{(2)}(K) = 0.033$
感受性人口	$N_1 = 28864$	$N_2 = 2617$



(図 30) ニュージーランド：新規 (左)・累積 (右) の陽性者数 (赤) と発症隔離者数 (SIIR：青)

6. 今後の課題

未知の感染症に対しては、対応の手段が少ない。感染力の強さ、重症化の条件、発症期間の長さ、無発症感染者の存在、効果的な治療法などの情報がすぐに得られなければ、感染者の隔離、消毒の奨励、対人接触減の要請、休業要請などをしながらワクチン開発に全力を挙げることになる。しかし、対人接触減や休業の要請は、日常生活に大きなひずみをもたらすし、経済活動の停滞を引き起こし、社会に負の効果をもたらす。社会生活や経済活動の在り方にイノベーションをもたらす可能性があるとしても、大きな犠牲を放置していいことにはならない。どのような政策が感染拡大を抑制し、感染終息に導くのかなどの政策介入は、その効果が確実でない限り安直には導入できない。しかし、感染症のシミュレーションの一環としての政策介入の社会実験は、実害

をもたらさないだけでなく、有効な政策を洗い出すうえで必要なことである。

本稿では、COVID-19 の特性を明らかにするために、新たな数理モデル SIIR を構築し、未発症感染者 (潜伏期感染者) が存在し潜伏期間にあっても感染力を持つこと、無発症感染者が存在し野放しの状態で感染拡大に大きな役割を担うこと、回復者が獲得する抗体の持続期間が有限であることなどをモデルにとりこむことで、データが再現されることを検証し、SIIR モデルが COVID-19 に対して適合的であることを示した。とはいえ、感染症は個人の基礎疾患の有無などの健康特性や、人とのつながりの濃淡や広がりなどの行動特性に依存して拡大するので、潜伏期間・発症期間・抗体持続期間や死亡率などは、平均値あるいは中央値で議論する限り、きめ細かい政策立案への情報を提供することにはならない。そ

こに SIIR モデルの限界がある。もちろん SIIR モデルをコーホートに対して拡張することは可能であるが、事態を複雑にし、高機能なコンピュータが必要になる。むしろエージェントベースモデリング (ABM) のほうが機動性があり、個人の条件を反映しながら平均的な効果を取り扱うことができるので、よりきめの細かい政策立案のための情報を提供できる。

今後は次のような問題を取り上げて、COVID-19 の早期終息に向けた政策課題を検討する。

- 諸外国での COVID-19 の感染拡大状況による SIIR モデルの検証
- 個人の健康特性や行動特性等、多様性を取り入れたエージェントベースモデリング (ABM) の定式化とデータによる ABM の検証
- 感染収束に向けたきめの細かい政策対応の検討

参考文献

1. W. O. Kermack and A. G. McKendrick, "A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics", Proc. of the Royal Society A. Mathematical, Physical and Engineering Sciences, 1, 815-821 (1927)
2. R. M. May and B. Anderson, "Infectious Diseases of Humans: Dynamics and Control", Oxford University Press, (1992)
3. D. Bernoulli and S. Blower, "An attempt at a new analysis of the mortality caused by smallpox and of the advantages of inoculation to prevent it", Reviews in Medical Virology, 14, 275-288 (2004)
4. V. Grimm and S. F. Railsback, "Individual-based Modeling and Ecology", Princeton Univ. Press, Princeton and Oxford (2005)
5. N. P. Jewell, J. A. Lewnard, B. Jewell, "Predictive Mathematical Models of the COVID-19 Pandemic", Journal of American Medical Association, Vol.323, No. 19 (2020)
6. 稲葉 寿 (編著), 「感染症の数理モデル」、培風館 (2008)
7. M. Iannelli, "Mathematical Theory of Age Structured Population Dynamics", (1995, Giardini Editori e Stampatori in Pisa)
8. Y. Chen, P. Lu, C. Chang, T. Liu, "A Time-dependent SIR model for COVID-19 with Undetectable Infected Persons", arXiv:2003.11371v3[q-bio.PE] 19 May 2020
9. R. Sameni, "Mathematical Modeling of Epidemic Diseases; A Case Study of the COVID-19 Coronavirus", arXiv:2003.00122v6[q-bio.PE] 28 Apr 2020
10. A. Cori, N. M. Ferguson, C. Fraser, S. Cauchemez Framework and Software to Estimate Time-Varying Reproduction Numbers During Epidemics", American J. Epidemiology, Vol.178, No.9, pp.1505-1512 (2013)(<https://doi.org/10.1093/aje/kwt133>)
11. WHO [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200402-sitrep-73-covid-19.pdf?sfvrsn=5ae25bc\\$7_6\\$](https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200402-sitrep-73-covid-19.pdf?sfvrsn=5ae25bc7_6)
12. S.A.Lauer, K.H.Grantz, Q. Bi, F.K.Jones, "The incubation Period of Coronavirus Disease 2019 From Publicly Reported Confirmed Cases: Estimation and Application", Ann. Internal Medicine, 5 May, 2020
13. 厚生労働省 <https://www.mhlw.go.jp/content/000624099.pdf>

14. A. Heidt, "Studies Report Rapid Loss of COVID-19 Antibodies", The Scientist, June 19, 2020